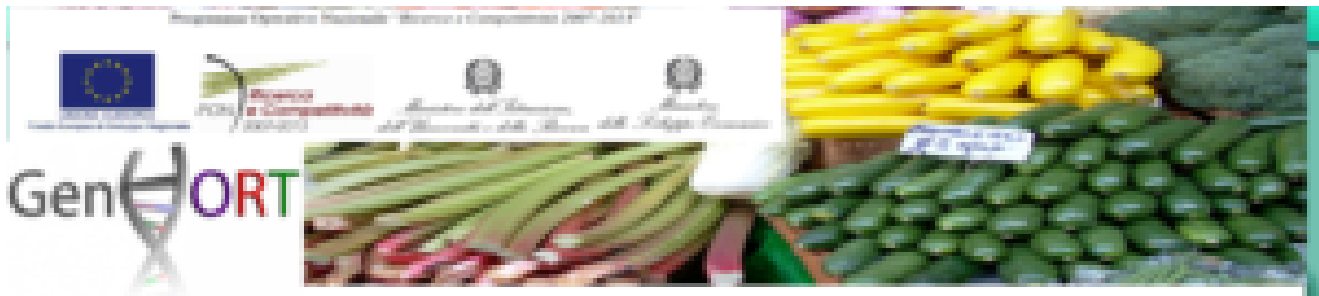


# GenHORT



## **Valorizzazione di produzioni ortive campane di eccellenza con strumenti di genomica avanzata (GenHORT)**

### **Descrizione**

GenHORT costituisce il logico proseguimento del progetto GenoPOM, laboratorio pubblico-privato di genomica per il rinnovamento ed il rilancio del “settore pomodoro” realizzato a Portici. Tecnologie e know-how sviluppati saranno efficientemente trasferiti a nuove filiere orticole (melanzana, peperone, patata e zucchino), sviluppando processi e prodotti per valorizzare e rendere più competitivo il comparto agro-industriale campano. Le attività si basano su recenti acquisizioni nella genomica e nella biologia molecolare con il supporto di altre discipline, quali bioinformatica e patologia. Le ricerche sono svolte da sette partner localizzati in Campania:

- Dip.to di Scienze del Suolo, della Pianta, dell’Ambiente e delle Produzioni Animali dell’Università degli Studi di Napoli Federico II;
- Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR)
- Dip.to Agroalimentare;
- Arterra Bioscience S.r.l.;
- Lodato Gennaro & C. S.p.A.;
- SemiortoSementi S.r.l.;
- CRA – Centro di Ricerca per l’Orticultura;
- Bioitalia Distribuzione S.r.l.

Collaboreranno: alcuni Dip.ti dell’Università degli Studi di Napoli Federico II (Dip.to di Arboricoltura, Botanica e Patologia Vegetale, Dip.to di Economia e Politica, Dip.to di Biologia Strutturale e Funzionale, Dip.to di Entomologia e Zoologia Agraria), Dip.to di Biologia e Chimica Agro-Forestale ed Ambientale

dell'Università degli Studi di Bari, EURECO S.r.l., Istituto Nazionale di Ricerca per gli Alimenti e la Nutrizione.

GenHORT si integra con il progetto di formazione 'Metodologie genomiche applicate al miglioramento genetico delle piante ortive' per 20 allievi che acquisiranno competenze nella genomica strutturale vegetale e funzionale e nel breeding molecolare. GenHort è strutturato in tre Obiettivi Realizzativi (OR):

OR1 Qualità e sostenibilità delle produzioni mediante strumenti di genomica strutturale e funzionale (11 linee di ricerca);

OR2 Sviluppo di risorse genetiche per il breeding avanzato (10 linee di ricerca);

OR3 Tracciabilità e principi attivi per l'agroindustria (5 linee di ricerca).

Gli OR 1 e 2 prevedono sviluppo e perfezionamento di risorse genomiche e genetiche per ottenere genotipi migliorati per qualità e resistenza a stress ambientali. L'OR 3 si focalizza sullo sviluppo di risorse a tutela dell'autenticità genetica e per la valorizzazione agroindustriale di varietà regionali, nonché su una valutazione economica della fattibilità dell'adozione di sistemi innovativi di tracciabilità. Le attività contribuiranno allo Sviluppo di risorse innovative per un'orticoltura sostenibile e di qualità e faranno proprie le esigenze delle filiere orticole considerate: ditte sementiere, imprese industriali e commerciali, consumatori. GenHort integrerà ricerca di base e applicata, trasferimento tecnologico, raccordo con le imprese e formazione, sviluppando e rafforzando risorse scientifiche, tecnologiche e iniziativa imprenditoriale.

Di seguito, alcuni dei risultati attesi:

1. nuovi genotipi migliorati per qualità e resistenza a stress;
2. nuovi strumenti e protocolli in automazione per la certificazione delle filiere orticole e identificazione di linee guida per un'efficiente tracciabilità;
3. nuovi formulati per la lotta ai microrganismi fitopatogeni e nuove materie prime vegetali ad elevata efficacia cosmetica;
4. nuovi strumenti genomici per il miglioramento genetico (breeding) di precisione;
5. individuazione di nuovi mercati di sbocco e linee guida per la penetrazione dei mercati esistenti.

I risultati, rispondenti alle esigenze emergenti, consentiranno innovazioni, brevetti e procedure, diffondibili ai partner del Laboratorio e sul mercato, rilanciando i prodotti. Si prevede che la soddisfazione dei consumatori accrescerà il fatturato per l'aumento dei prezzi per la maggior qualità e in termini di volumi, con effetti sulle nuove varietà e sul rilancio di quelle meno utilizzate per scarsa resa. Le imprese accresceranno la propria gamma e potranno espandersi con positive ricadute in termini occupazionali.

## **Risultati**

Nell'ambito delle colture oggetto di studio (peperone, melanzana, patata e zucchino) gli obiettivi realizzativi riguarderanno:

1) Qualità e sostenibilità delle produzioni mediante strumenti di genomica strutturale e funzionale. In particolare si è concentrata l'attenzione su identificazione e validazione funzionale di geni chiave per caratteri di importanza merceologica, antiossidanti, tolleranze a stress biotici ed abiotici. Nell'ambito di questi obiettivi sono state allestite piattaforme computazionali per la genomica comparativa e l'analisi dell'espressione genica.

2) Sviluppo di risorse genetiche per il breeding avanzato, volte alla genotipizzazione e fenotipizzazione per resistenze a virus e malattie fungine; sviluppo e valorizzazione di risorse per elevato contenuto in antiossidanti e antocianine; studio dei meccanismi di controllo genetico della riproduzione.

3) Sistemi di tracciabilità e certificazione per i prodotti della filiere agroalimentari di interesse ed impiego di tecnologie volte all'ottenimento di principi attivi innovativi di origine naturale.

## **Contributo ISPAAM**

Per quanto attiene all'attività dell'**ISPAAM** nel suddetto progetto, l'Istituto si occuperà dell'analisi proteomica della risposta di solanacee a stress abiotici e biotici. A tal fine, approcci di proteomica d'espressione saranno applicati allo studio della risposta a stress abiotici e biotici nelle solanacee. Saranno eseguiti studi differenziali evidenziando le variazioni dell'espressione genica nelle piante in risposta a stress idrico, alla combinazione di stress idrico/termico o dopo attacco di afidi. Estratti proteici da piante, raccolti da genotipi tolleranti o

suscettibili in condizioni di stress e non, verranno comparati su base quantitativa attraverso tecniche di elettroforesi bidimensionale (2-DE). Le proteine differenzialmente espresse saranno caratterizzate mediante approcci di spettrometria di massa (MS) MALDI-TOF peptide fingerprinting, nLC-ESI-LIT-MSn e bioinformatica. L'attività sarà organizzata per fornire una piattaforma tecnologica di supporto alle altre UR, in grado di eseguire sia studi di proteomica d'espressione che funzionale. Le proteine identificate saranno integrate in una serie di network relazionali di tipo molecolare.

#### Deliverables

Mappe proteomiche differenziali di solanacee in seguito a stress idrico, a combinazione di stress idrico/termico o dopo attacco di afidi.

[http://www.ponrec.it/open-data/risultati/distretti-laboratori/PON02\\_00395\\_3215002](http://www.ponrec.it/open-data/risultati/distretti-laboratori/PON02_00395_3215002)